

HIV1LAI (DP-178; SEQ ID:1)	YTSLIHSLIEESQNQOEKNEQELLELDKWASLWNWF
HIV1SF2 (DP-185; SEQ ID:3)	YTNTIYNLLEESQNQOEKNEQELLELDKWASLWNWF
HIV1RF (SEQ ID:4)	YTGIIYNLLEESQNQOEKNEQELLELDKWANLWNWF
HIV1MN (SEQ ID:5)	YTSLIYSLLEKSQTQOEKNEQELLELDKWASLWNWF
HIV2ROD (SEQ ID:6)	LEANISKSLDQAQIQOEKMYELQKLNWDIFGNWF
HIV2NIHZ (SEQ ID:7)	LEANISQSLEQAQIQOEKMYELQKLNWDVFTNWL
DP180 (SEQ ID:2)	SSSFSTLLEQNNWKQLAEQWLEQINEKHYLEDIS
DP118 (SEQ ID:10)	QQLLDVVKRQQEMLRLTVWGTKNLQARVTAIEKYLKDQ
DP125 (SEQ ID:8)	CCGNNLLRAIEAQQHLLQLTVWG IKQLQARILAVERYLKDQ
DP116 (SEQ ID:9)	LQARILAVERYLKDQQQ

FIG.1

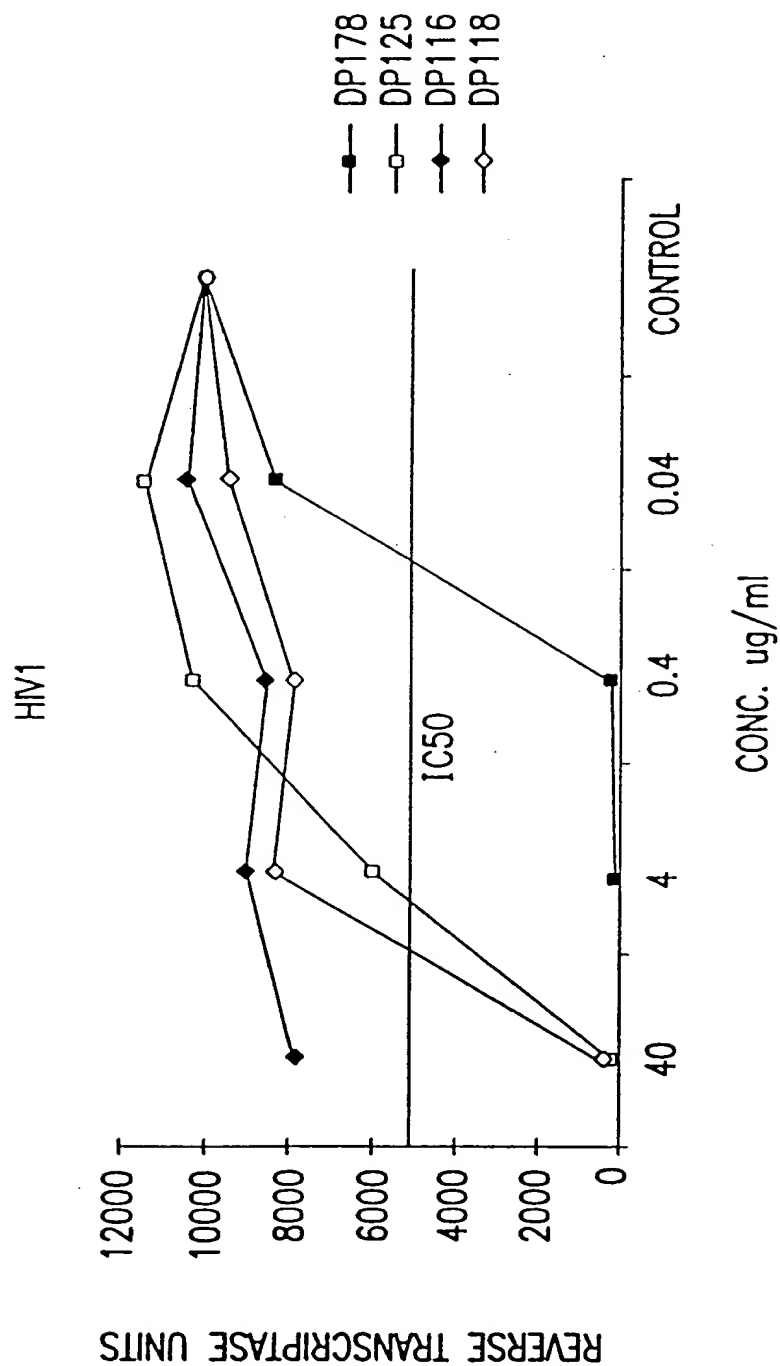


FIG.2

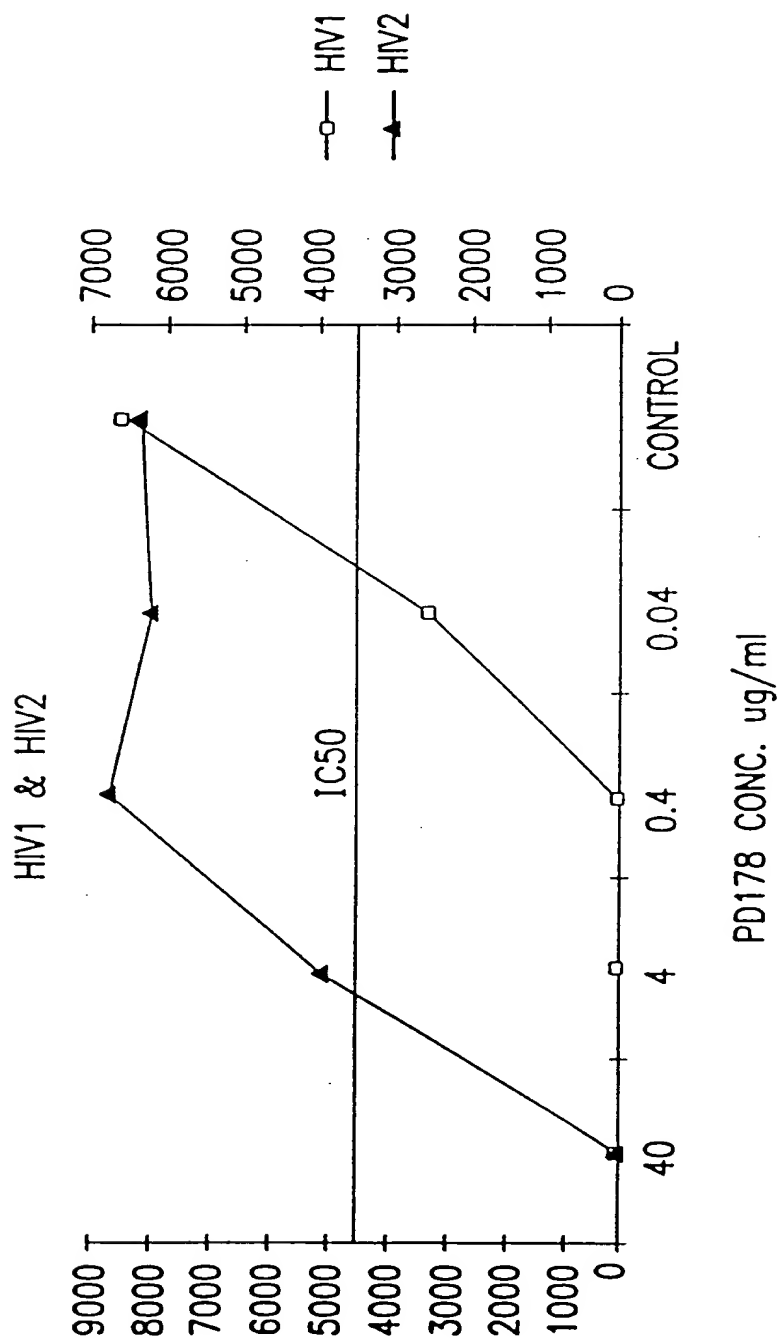


FIG.3

## 7872-020 (SHEET 4 OF 63)

Number of Syncytia/well: concentration in $\mu\text{g/ml}$ (micrograms/ml)									
DP178	10	5	1	0.2	0.1	0.05	0.025	0.0125	Control
<i>Syncytia</i>									
HIV1LAT	0	0	0	0	0	0	0	0	67
HIV1MN	0	0	0	0	0	ND	ND	ND	34
HIV1RF	0	0	0	0	0	ND	ND	ND	65
HIV1SF2	0	0	0	0	0	ND	ND	ND	58
DP125	10	5	1	0.2	0.1	0.05	0.025	0.0125	Control
<i>Syncytia</i>									
HIV1LAT	0	0	54	69	80	75	79	82	67
HIV1MN	0	0	30	36	ND	ND	ND	ND	34
HIV1RF	0	0	67	63	ND	ND	ND	ND	65
HIV1SF2	0	0	9	66	ND	ND	ND	ND	58
DP116	10	5	1	0.2	0.1	0.05	0.025	0.0125	Control
<i>Syncytia</i>									
HIV1LAT	75	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	67
HIV1MN	35	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	34
HIV1RF	81	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	65
HIV1SF2	81	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	58

FIG.4A

DP180	40	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	Control
<i>Syncytia</i>									
HIV1LAT	50	>45	>45	>45	>45	>45	>45	>45	58
DP185	40	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	Control
<i>Syncytia</i>									
HIV1LAT	0	0	0	0	0	0	0	ND	60

FIG.4B

<u>HIV1</u>								
Number of Syncytia/well: concentration in ng/ml (nanograms/ml)								
DP178	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	Control
<i>Syncytia</i>								
HIV1	0	0	0	0	0	14	20	48
DP116	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	Control
<i>Syncytia</i>								
HIV1	ND	48	ND	ND	ND	ND	ND	ND
<u>HIV2</u>								
Number of Syncytia/well: concentration in $\mu$ g/ml (micrograms/ml)								
DP178	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	Control
<i>Syncytia</i>								
HIV2	50	54	55	57	63	77	78	76
DP116	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	Control
<i>Syncytia</i>								
HIV2	ND	58	ND	ND	ND	ND	ND	ND

FIG.5

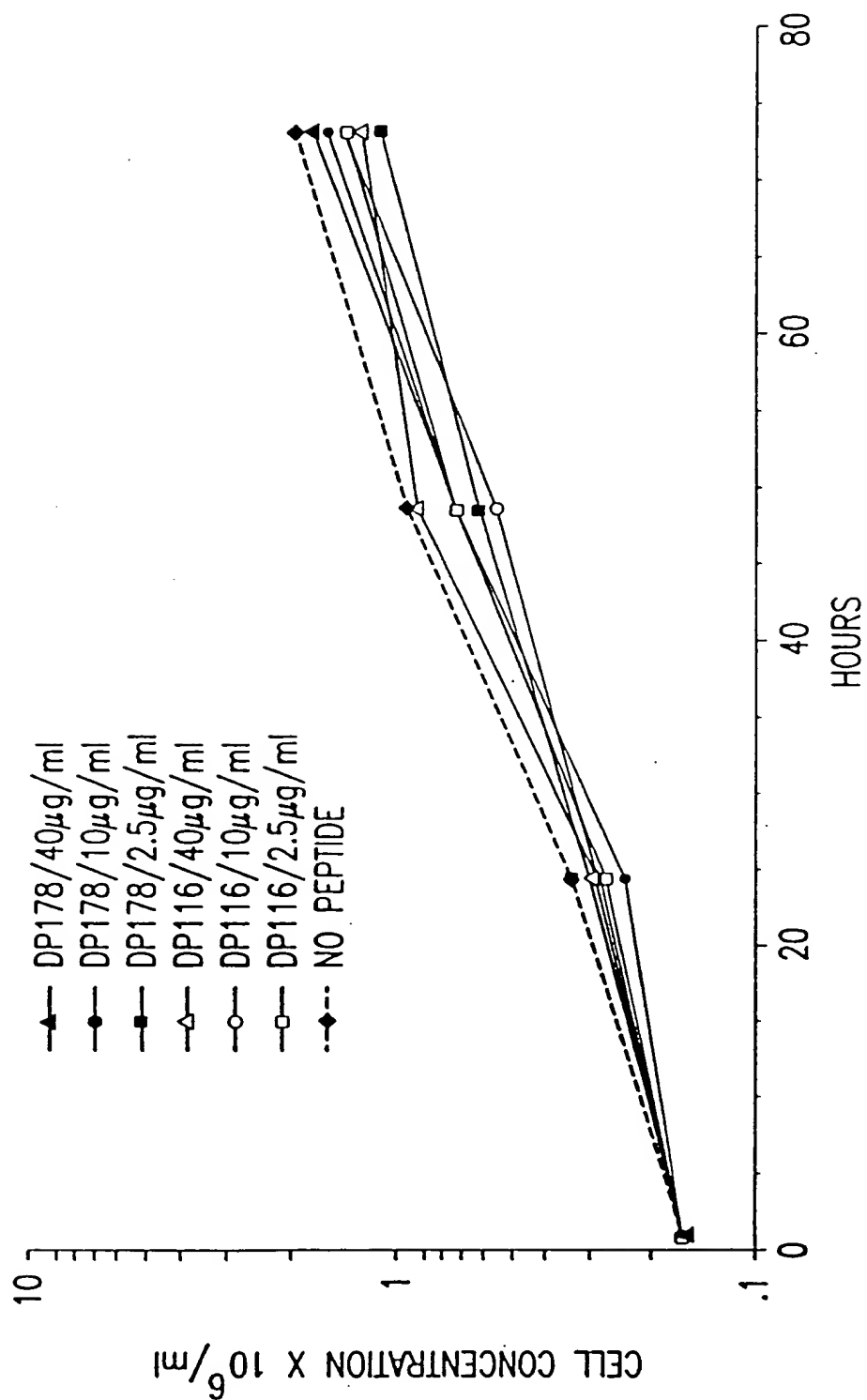


FIG.6

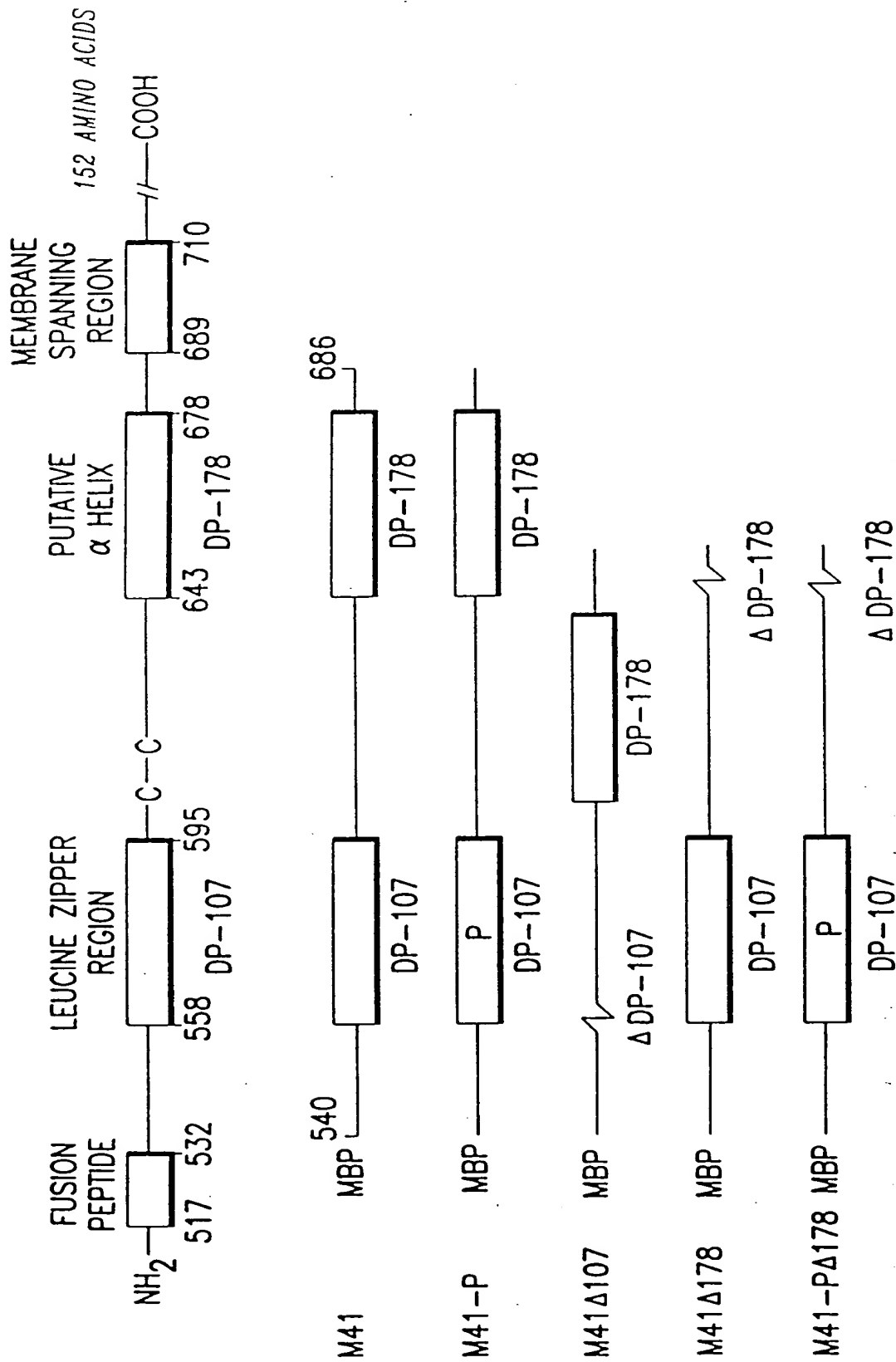


FIG.7

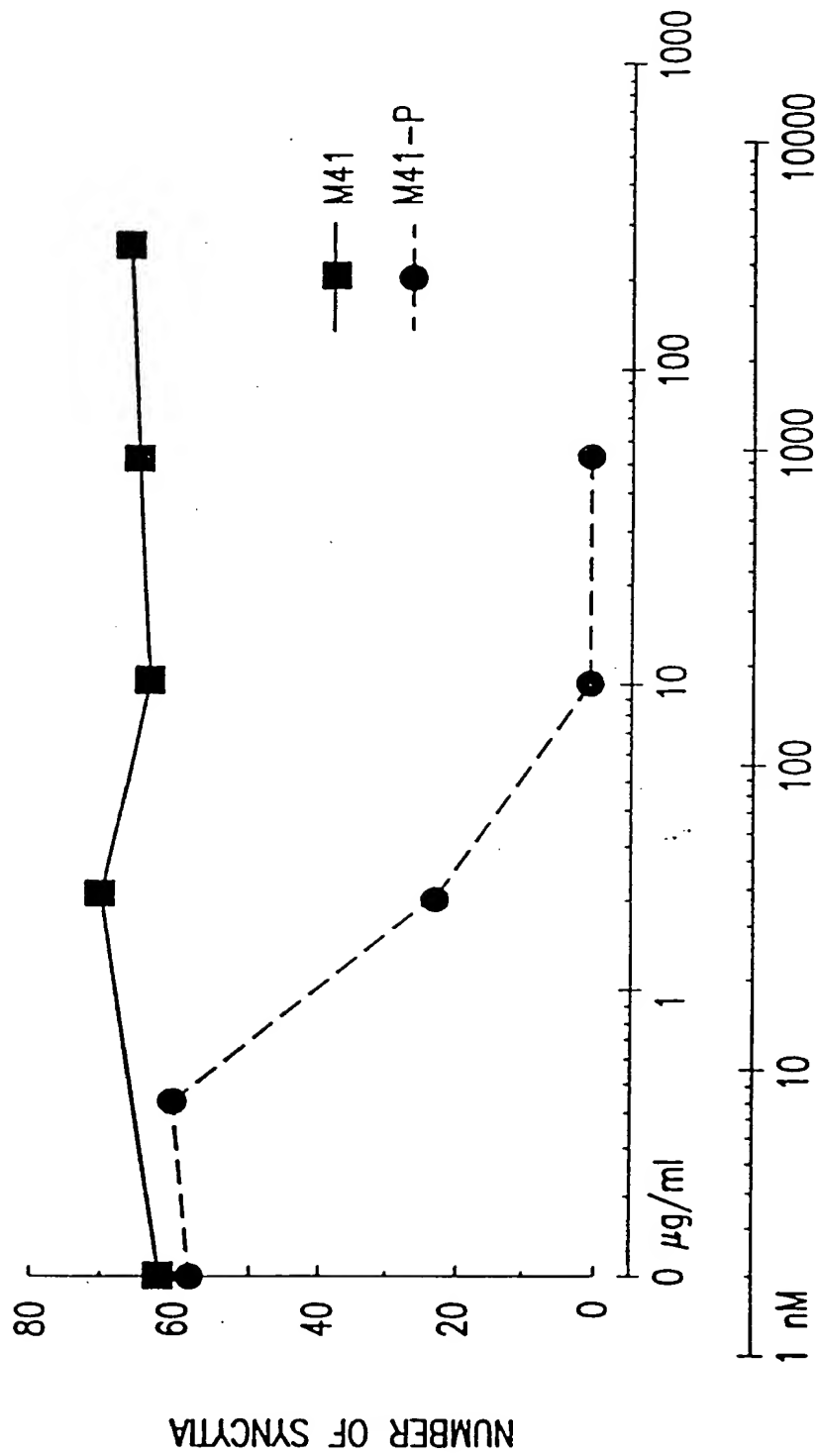


FIG.8



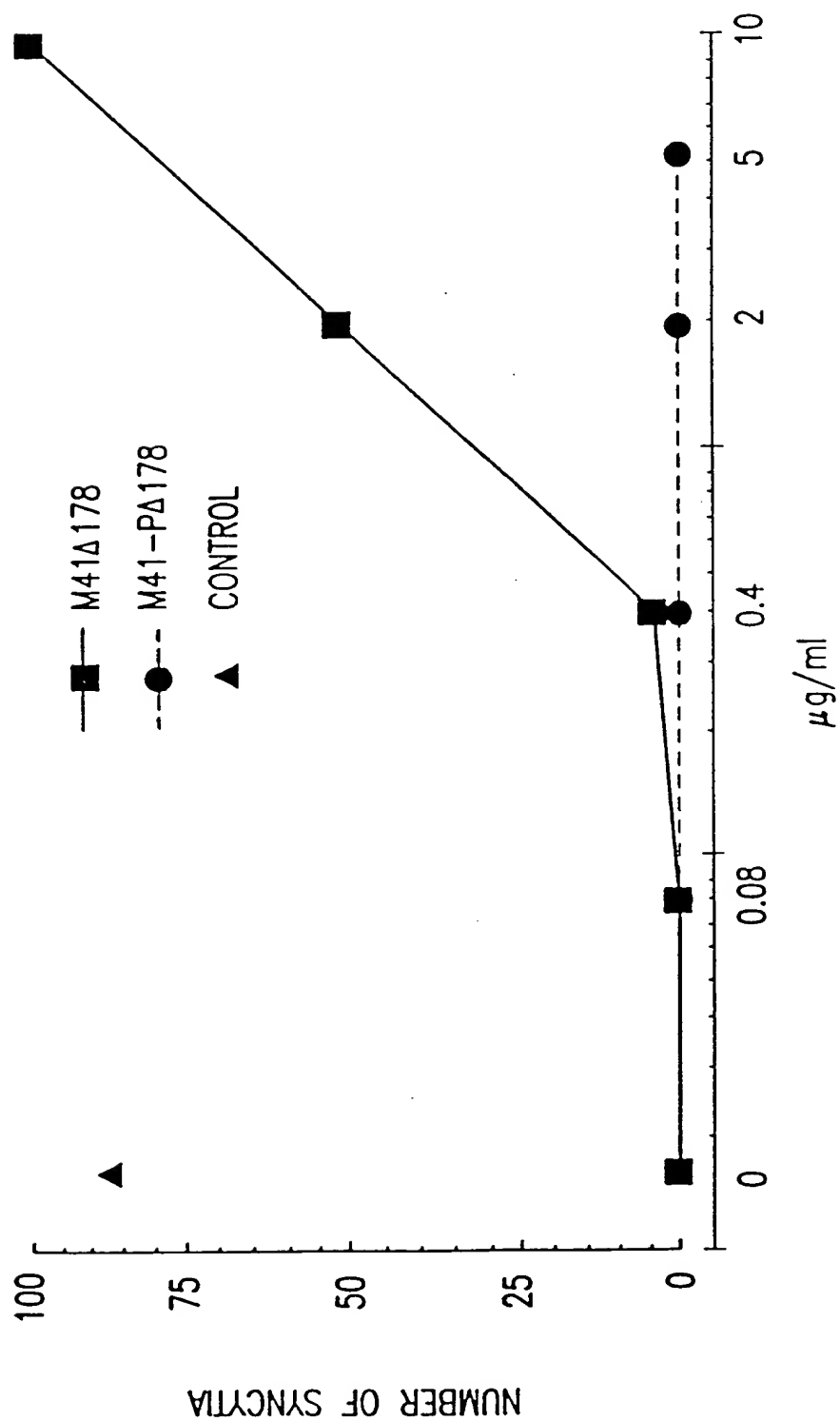


FIG.9

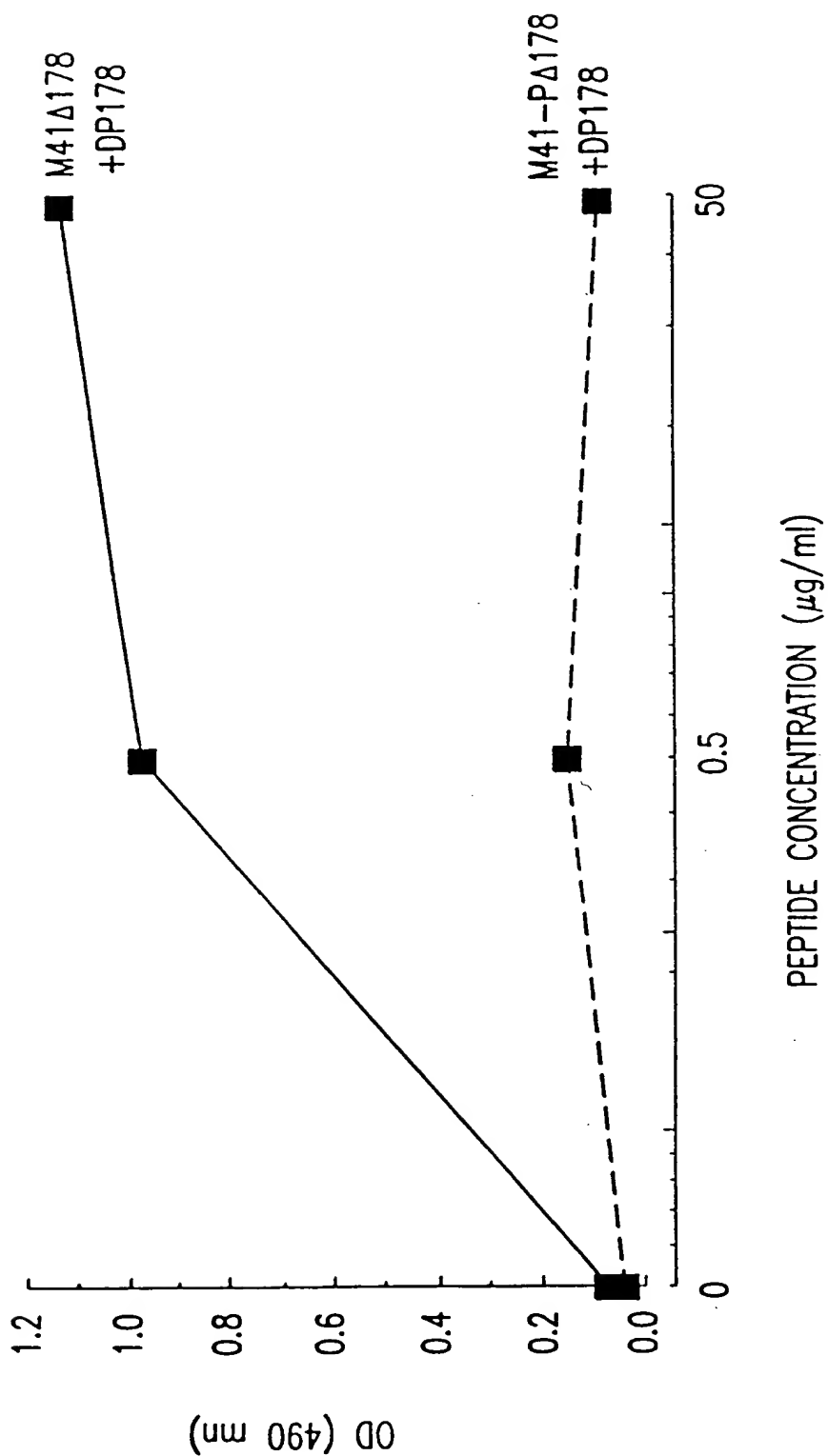


FIG.10

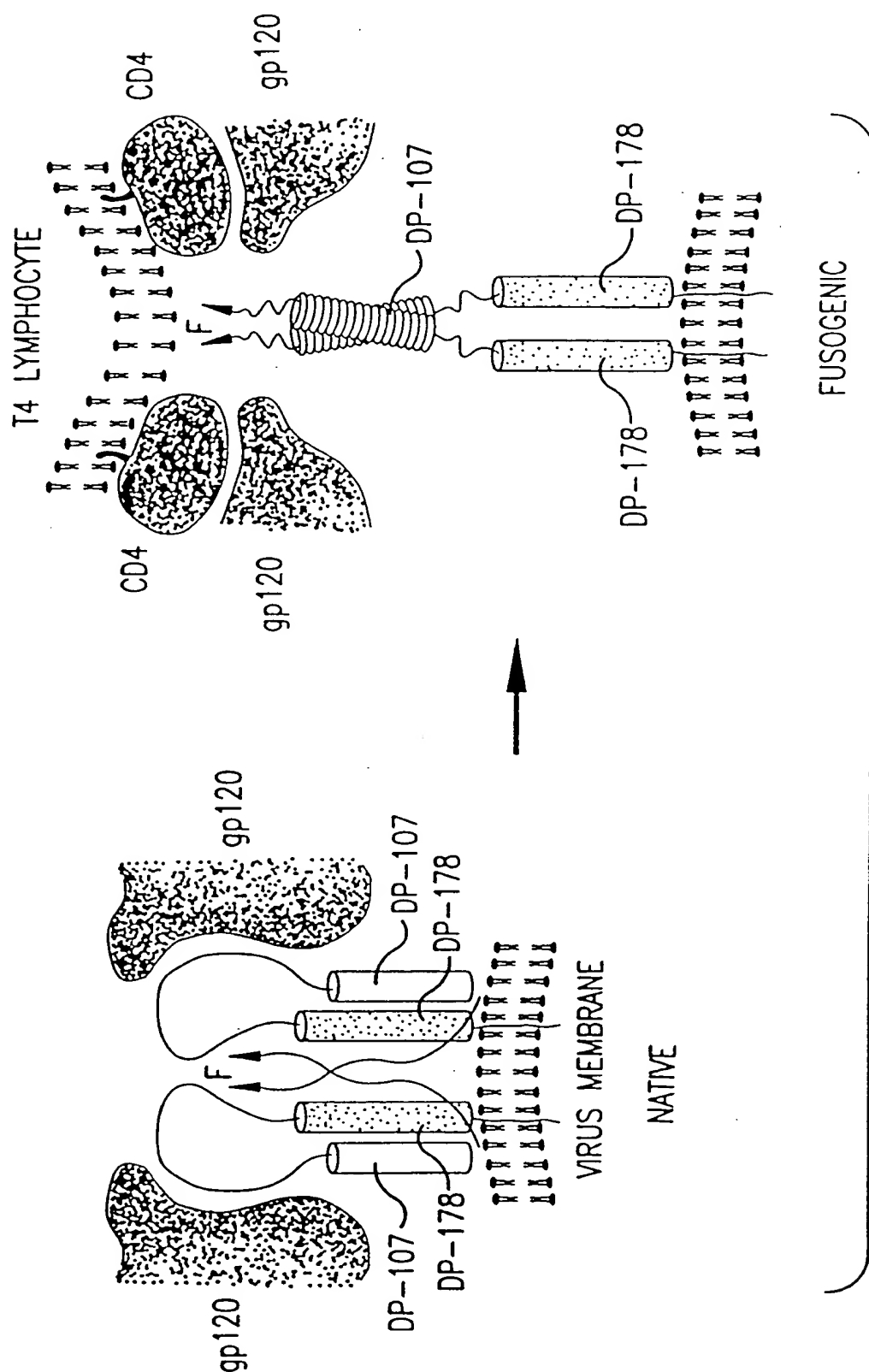


FIG.11A

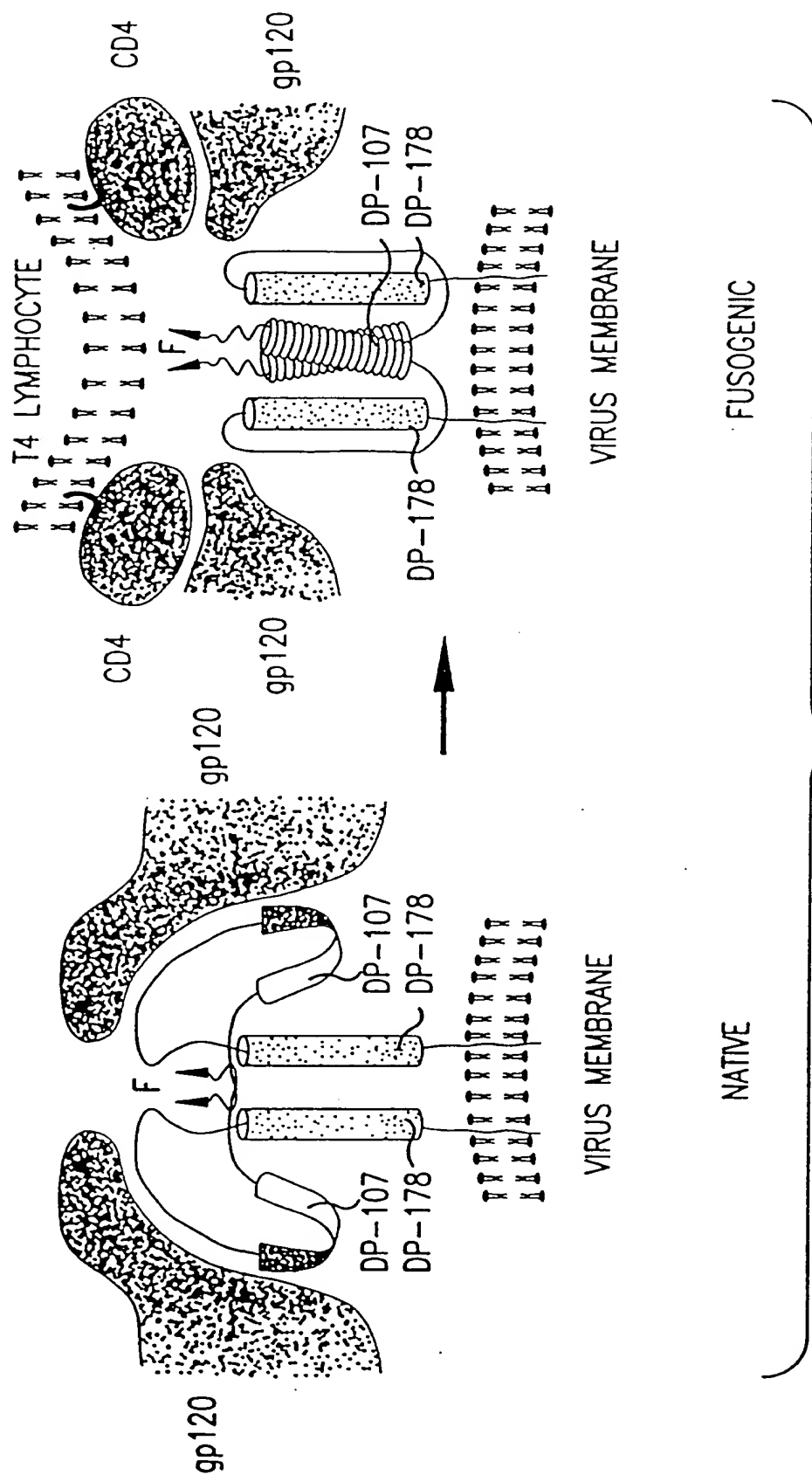


FIG. 11B

Sequence	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	Motifs				
GCN4 (gcn4 yeast)	M	K	Q	L	E	D	K	V	E	E	L	S	K	N	A	Y	H	L	E	N	E	V	A	R	L	K	K	L	[LMNV] {CFGIMPTW}
C-FOS (fos_human)	T	D	T	L	Q	A	E	T	D	Q	L	E	D	E	K	S	A	L	Q	T	E	I	A	N	L	L	K	E	[IKLT] {CFGHIMPRVWY}
C-JUN (jun1_human)	I	A	R	L	E	E	K	V	K	T	L	K	A	Q	N	S	E	L	A	S	T	A	N	M	L	R	E	Q	[AILNV] {CDFGHILPWY}
C-MYC (myo_human)	E	Q	K	L	I	S	E	E	D	L	L	E	K	R	E	Q	L	K	H	K	L	E	Q	L	R	N	S		[ELR] {ACFGMPVWY}
FLU LOOP 36	I	E	K	T	N	E	K	F	H	Q	I	E	K	E	F	S	E	V	E	C	R	I	Q	D	L	E	K	Y	[FILTV] {ACFLMPTVW}

FIG.12

Sequence	Positions												Motifs
	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	
DP-107 (env_hv1bru)L1=D	N	N	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	[ILQT] {CFIMPSTY}
DP-107 (env_hv1bru)L1=D	N	N	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	[ILQTV] {CDFIMPST}
DP-107 (env_hv1bru)L1=D	N	N	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	[ILQTV] {CDFIMPST}
DP-107 (env_hv1bru)L2=D	N	N	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	[EKLNV] {CDFKMPSTY}
DP-107 (env_hv1bru)L2=D	N	N	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	[EKLNV] {CFKMPST}
DP-107 (env_hv1bru)L2=D	N	N	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	[EKLNV] {CFKMPST}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=A	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	S	Q	[EKLOY] {ACFGMPRVWY}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=A	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	S	Q	[EKLOWY] {CFGMPRVY}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=A	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	S	Q	[EFKLOWY] {CFGMPRVY}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=D	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	S	Q	[EILNOSY] {ACFGMPRVWY}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=D	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	S	Q	[EILNOSWY] {CFGMPRVY}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=D	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	S	Q	[EFILNOSWY] {CFGMPRVY}

FIG.13

FIG. 14

7872-020 (SHEET 16 OF 63)

Sequence	Positions																								Parent Motif	Hybrid Motif											
	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D													
GCN4 (gcn4 yeast)	M	K	Q	L	E	D	K	V	E	E	L	L	S	K	N	Y	H	L	E	N	E	V	A	R	L	K	K	L			[LMNV] {CFGIMPTW}						
DP-178 (env_hv1bru)Y1=A	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	Q	E	K	N	E	Q	E	L	L	E	L	D	K					[EKLOY] {ACFGMPRVWY}	[EKLINQVY] {CFGMPH}				
DP-178 (env_hv1bru)Y1=A	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	Q	E	K	N	E	Q	E	L	L	E	L	D	K	W	A	S	L	W	N	W	[EKLQWY] {CFGMPRVY}	[EKLINQVWY] {CFGMP}	
DP-178 (env_hv1bru)Y1=A	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	Q	E	K	N	E	Q	E	L	L	E	L	D	K	W	A	S	L	W	N	W	F	[EFKLQWY] {CFGMPRVY}	[EFLINQVWY] {CFGMP}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=D	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	Q	E	K	N	E	Q	E	L	L	E	L	D	K								[EILNQSY] {ACFGMPRVWY}	[EILINQSVY] {CFGMPH}	
DP-178 (env_hv1bru)Y1=D	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	Q	E	K	N	E	Q	E	L	L	E	L	D	K	W	A	S	L	W	N	W	[EILNQSWY] {CFGMPRVY}	[EILINQSVWY] {CFGMP}	
DP-178 (env_hv1bru)Y1=D	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	Q	E	K	N	E	Q	E	L	L	E	L	D	K	W	A	S	L	W	N	W	F	[EFLINQSWY] {CFGMPRVY}	[EFLINQSVWY] {CFGMP}

FIG.15



Sequence	Positions																Parent Motif	Hybrid Motif																		
	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D																				
DP-107 (env_hv1bru)L1=D	N	N	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	T	V	W	G	I	K	Q	L	A	V	E	R	Y	L	K	D	Q	[ILQTV] {CDFIMPST}				
DP-107 (env_hv1bru)L2=D	N	N	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	T	V	W	G	I	K	Q	L	A	V	E	R	Y	L	K	D	Q	[EKLNV] {CFKAPS}				
DP-178 (env_hv1bru)Y1=A	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	Q	E	K	N	E	Q	E	L	L	E	L	D	K	W	A	S	L	W	N	W	F	[EFKLWY] {CFGAPRVY}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=D																																				[EFILNDSHY] {CFGAPRVY}
FLU LOOP 36	I	E	K	T	N	E	K	F	H	Q	I	E	K	E	F	S	E	V	E	G	R	I	Q	D	L	E	K	Y						[FILTV] {ACFLMPTVM}		

FIG.16

Sequence	Positions														Parent Motif	Hybrid Motif	
	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D			
GCN4 (gcn4 yeast)	M	K	Q	L	E	D	K	V	E	E	L	L	S	K	N	{LMAV} {CFGIMP <sup>TH</sup> }	
DP-107 (env_hv1bru) L1=D	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	{ILOTV} {COFIMP <sup>ST</sup> }	
DP-178 (env_hv1bru) Y1=A	Y	T	S	L	I	M	S	L	I	E	E	S	Q	N	Q	{EFKLOWY} {CFGMPRVY}	{EFLKLMNQTVWY} {CFMP}
GCN4 (gcn4 yeast)	M	K	Q	L	E	D	K	V	E	E	L	L	S	K	N	{LMAV} {CFGIMP <sup>TH</sup> }	
DP-107 (env_hv1bru) L1=D	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	{ILOTV} {COFIMP <sup>ST</sup> }	
DP-178 (env_hv1bru) Y1=D	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	Q	{EFLNQSHY} {CFGMPRVY}	{EFLILNQSTVWY} {CFMP}
GCN4 (gcn4 yeast)	M	K	Q	L	E	D	K	V	E	E	L	L	S	K	N	{LMAV} {CFGIMP <sup>TH</sup> }	
DP-107 (env_hv1bru) L2=D	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	{EKLNV} {CFKAPS}	
DP-178 (env_hv1bru) Y1=A	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	Q	{EFKLOWY} {CFGMPRVY}	{EFLKLMNQVWY} {CFMP}
GCN4 (gcn4 yeast)	M	K	Q	L	E	D	K	V	E	E	L	L	S	K	N	{LMAV} {CFGIMP <sup>TH</sup> }	
DP-107 (env_hv1bru) L2=D	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	{EKLNV} {CFKAPS}	
DP-178 (env_hv1bru) Y1=D	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	Q	{EFLNQSHY} {CFGMPRVY}	{EFLKLMNQSWY} {CFMP}

FIG.17

7872-020 (SHEET 19 OF 63)

Sequence	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	Parent Motif	Hybrid Motif
GCN4 (gcN4 yeast)	W	K	Q	L	E	D	K	V	E	E	L	L	S	K	N	Y	H	L	[LMNV] {CFGIMPVW}	
DP-107 (env_hv1bru) L1=D	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	T	V	W	[ILOTV] {CDFIMPST}	
DP-107 (env_hv1bru) L2=D	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	T	V	W	[EKLNV] {CFKAPS}	
DP-178 (env_hv1bru) Y1=A	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	S	Q	N	Q	Q	E	K	N	[EFKLVY] {CFGMPRVY}	
DP-178 (env_hv1bru) Y1=D					Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	S	Q	N	Q	[EFILNQSW] {CFGMPRVY}	
C-FOS (fos_human)	T	D	T	L	Q	A	E	T	D	Q	L	E	D	E	K	S	A	L	[IKLT] {CFGIMPVWY}	
C-JUN (top1_human)	I	A	R	L	E	E	K	V	K	T	L	K	A	Q	N	S	E	L	[AILNV] {CDFCHILPVWY}	
C-MYC (myo_human)	E	Q	K	L	I	S	E	E	D	L	L	E	K	R	R	E	Q	L	[ELR] {ACFGMPVWY}	
FLU LOOP 36	I	E	K	T	N	E	K	F	H	Q	I	E	K	E	F	S	E	V	[FILTV] {ACFLMPTVW}	
																			[AEF IKLMNQRSTVWY] {CFP}	
																			= {CDGHP} {CFP}	

FIG.18

P-[LIV]-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]  
P-{P}(1)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]  
P-{P}(2)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]  
P-{P}(3)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]  
P-{P}(4)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]  
P-{P}(5)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]  
P-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]  
P-{P}(7)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]  
P-{P}(8)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]  
P-{P}(9)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]  
P-{P}(10)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]  
P-X(1,12)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]  
P-X(13,23)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]-{P}(6)-[LIV]

FIG.19

Fusion Peptide ♡ALLMOTI5♡ ♡107x178x4♡  
 ♡.....ELGELG A AGSTMGARSM TLTVQARQ ♡LLSGIVQQQ DPI07-NNL

LRAIEAQOHL LQTYWGIKO LOARILAVR YLKDO-DPI07 QLLG♡♡ I WGC

♡107x178x4♡  
 ♡ALLMOTI5♡ \*LVS Coiled-Coil\*  
 SGKLICT TAVP ♡WNASWS NKSLEQIWNN MTWM \*E ♡WDRELNN DPI78-

YTSLIHSL IEESONQOEK NEOELLELDK\* WASLWNWT-DPI78 NI

♦Transmembrane Region♦  
 TNWLWYIK♦ ♦IFIMIVGGLYGLRIVEAVLSIV NRVRQGYS♡ PL

♣P23LZIPC♣  
 SFQTHLPTPR GPDR ♣PEGIEE EGGERDRDRS IRLVNGSLAL IWDDLRLS♣ CL

♡ALLMOTI5♡ ♡107x178x4♡  
 F ♡SYHRLRDLL LIVTRIVELL GRGW ♡EALKY WWNLLQYWSQ

ELKNSAYSLL NAT♣ AIAVAEG TDRVIEVVQG A♡ CRAIRHIPR

RIRQGLERIL L

FIG. 20

7872-020 (SHEET 22 OF 63)

Fusion ♡ ALLMOTI5 ♡  
 Peptide ♡ 107x178x4 ♡  
 ♡.....ELGEL LGVGSALAS GVA ♡ VSKVLHLEGEVNKIKSA  
  
 ♡P1&12LZIPC ♡  
LLSTNKAVVSLSNGVSVLTSKVLDLKNYIDKQ ♡ ♡ LL ♡PIVNKQ  
  
 ♡ 107x178x4 ♡  
 SC ♡ SISNIETV I ♡ EFQOKNNRLLLETTREESYNAG ♡ VTTTPVSTMLTINSELLSL  
  
 ♡P1&12LZIPC ♡  
 ♡ ALLMOTI5 ♡  
 INDM ♡PI ♡TNDQKKLMSNNVQI V ♡ RQQSYSI ♡ MS IKEEVLAYV  
  
 VQ ♡ LPLYGVIDTPCWKLHTSP LCTTNTKEGS NICLTRTDRG WYCDNAGSVS  
  
 FFPQAETCKV QSNRVFCDTM NSLTLPSEIN LCNVDIFNPK  
  
 YDCKIMTSKT DVSSSVITSL GAIVSCYGKT KCTASNKNRG  
  
 IIKTFSNGCDYVSNKGMDTV SVGNTLYYVN KQEGKSLYVK G  
  
 ♡P7, 12, & 23LZIPC ♡  
 ♡ 107x178x4 ♡ ♡ ALLMOTI5 ♡  
 EPIINFYDPLVF ♡PSDE ♡ EDASISQYNEKINOSLAF ♡ I ♡ RKSDELL ♡  
  
 ♡ Transmembrane Region ♡  
HNVNA ♡ GK STTN ♡ IMTTIIVIVILLSLIAVGLLLY ♡ C ♡  
  
 KARSTPVTLS KDQLSGINNI AFSN

FIG. 21

Fusion  
 Peptide ♡ ALLMOTIS ♡ ♡ 107x178x4 ♡  
 .....ELGFLG ♡ AAGTA MGAAA ♡ TALTVOHQHLLAGILQQQKNLLAAV  
  
 ♡ 107x178x4 ♡  
 EAQ ♡ QQM ♡ LKLTIWGVKNLNARVTALEKYLEDOARLN ♡ AWG ♡ CA  
  
 \*LVS Coiled-Coil\*  
 ♡ ALLMOTIS ♡ ♡ 107x178x4 ♡  
 WKQVCHTTVP WQWNNRTPDW ♡ NNMT \*WLE ♡ WEROISYLEGNT  
  
 ♡ 107x178x4 ♡  
 TQLEEARAQEEKNLD ♡ AYQKLSS\* WSDFWSW ♡ FDF ♡ SKWLN ♡ ILK  
  
 ♦ Transmembrane Region ♦  
 IGELDYLGIGLRLLYTY ♦ YS ♡ CIARVRQGYS PLSPQIHHP WKGQPDNAEG  
  
 PGEKGDKRKN SSEPWQKESG TAEWKSNEWCK RLTNWCSISS IWLKNS  
  
 ♡ ALLMOTIS ♡  
 ♡ CLTL LVHLRSFAFY IQYGLGELKA AAQEAVVALA RLAQNAGYQIWL ♡  
  
 ACRSAYRA IINSPRRVRQ GLEGILN

FIG. 22

7872-020 (SHEET 24 OF 63)

Fusion ♣107x178x4♣  
 Peptide ♡ALLMOTI5♡ \*LVS Coiled-Coil\*  
 .....EAG ♡VVL AGVALGVATA AQITAGIALHQ ♣\*SNLNAQAIQ

SLRTSLEQSNKAIEEIREATOETVIA\* VOGVQDY♣ VNNEL♡ VP

♡ALLMOTI5♡  
 ♣107x178x4♣

AMQHMSCELVGQRLGLRLLRYYTELLSIFGPSLRD ♣P6 & 12LZIPC♣  
 ♣PISA ♣♡EISIQALIXAL

GGEHKKLEKLGYSQSD♣ MIAILES RGIKTKI♡ THVDLP GKF ILSISY

♣P1 & 12LZIPC♣  
 ♣PTLSEVKG VIVHRLEAV♣ SYNIGSQEWYTTVPRYIATNGYLISNFD ESSCVFVS

ESAICSQNSL YPMSPLLQQC IRGDTSSCAR TLVSGTMGNK FILSKGNIVA

NCASILCKCY STSTINQSP DKLLTFLASD TCPLVEIDGA TIQVGGRQYP

\*LVS Coiled-Coil\*  
 ♡ALLMOTI5♡  
 ♣P12 & 23LZIPC♣

DMVYEGKVAL G ♣PAISLD ♡RL\*DYGTNLGNALKKLDDAKVLI♣

♣Transmembrane Region♣

DSS♣ NOILETVRRS♡\* SFN ♣EGSLLSVPI LSCTAL ALLLLIXCC♣

K RRYQQTLKQH TKVDPAFKPD LTGTSKSYVR SL

FIG. 23



7872-020 (SHEET 25 OF 63)

Fusion ♥ALLMOTI5♥  
 Peptide ♣107x178x4♣  
 ♥.....FIGAI IGSVALGVA TAAQITAASA LIQANQNAAN ♣ILRLKESITA  
  
TIEAVHEVTDGLSQLAVA♣ VG KM♥ QQFVNDQFNNTAQELDCIKITQQV  
  
 ♥ALLMOTI5♥  
 GVELNLYLTELT TV FGPQITSPAL ♥TQLTIQALYNAGGNMDYLLTKLGVG  
  
 ♣P1 & 12LZIPC♣  
 NNQLSSLIGSGLIT GN♥ ♣PILYDSQT QLLGIQVTLP SVGNLNNMRATYLET  
  
 LSVST TKGFASALVP KVVVTQVGSVI EELDTSYCIE TDLDLYCTRI VTFFPMSPGIY  
  
 SCLNGNTSAC MYSKTEGALT TPYMTLKGSV IANCKMTTCR CADPPGIISQ  
  
 ♥ALLMOTI5♥  
 ♣107x178x4♣  
 NYGEAVSLID RHSCN ♣♥VLSLD GITLRLSGEF DATYQKNISI LDSQVIVTG  
  
 \*LVS Coiled-Coil\* ♣Trans-  
 \*NLDISTELGNV NNSISNALDK LEESNSKLDK VNVKLTSTSA ♣LET\* YIA  
  
membrane Region♣  
LTALSLVCGHLSLV♥♣ LACYLMY♣ KQKAQQKTLLWLGNNTLGQMRATTKM

FIG. 24

## 7872-020 (SHEET 26 OF 63)

Fusion                    ♡ALLMOTIS♡  
 Peptide    ♡107x178x4♡    \*LVS Coiled-Coil\*  
 .....EEGGV    ♡IG ♡TIALG    \*VATSAQITA AVALVEAKQARSDIEKLKE

AIRDTNKAVQSVQSSIGNLIVAIKSVQ\* DYVNKE♡♣ IVPSIARLGCEAAG

♡ALLMOTIS♡  
 ♡107x178x4♡  
 LQLGIALTQH ♡♡XSELTNIEGDNIGSLOEKGIKLOGIASLYRTNITE♡♣

♡P5 & 12LZIPC♡  
 IFTTSTVDKYDIYDLLFTESIKVRVIDVDLNDYSITLQVRL ♡PLLTRLNTQIYR

VDSISYNI♡ QNREWYI♡ PLPSHIMTKGAFLGGADVKECIEAFSSYIC

PSDPGFVLNHEMESCLSGNISQCPRTVVKSDIVPRYAFVNGGVVANCITT

TCTCNGIGNRINQPPDQGVKIITHKECNTIGINGMLFNTNKEGTLAFYTP

♡ALLMOTIS♡  
 ♡107x178x4♡  
 ♡P6 & 23LZIPC♡  
 NDITLNNNSVALD ♡PIDI ♡SIELN ♡KAKSDLEESKEWI♡ RRSNOKL÷

♡Transmembrane Region♡  
DSIGNWHOSTT ♡IIIV♡ LIMIIIEHNTII♡ IIAVKYY♡ R  
 IQKRN RV DQN DKPYVLTK

FIG. 25

7872-020 (SHEET 27 OF 63)

Fusion

Peptide

.....GLFGAI AGFIENGWEGMIDGWYGFRHQNSEGTG

♣107x178x4♣

♥ALLMOTI5♥

\*LVS Coiled-Coil\*

\*Q ♥AADLKST ♣QAADQINGKLNRVIEKTNEKTHQIEKEESEVEGRIQ

DLEKYVEDTKIDL\* WSYNAELLYALENQHTI♣ DLT♥ DSEMKNLFEKTR

RQLRENAEEMGNGCFKIYHKCDNACIESIRNGTYDHDVYRDEALNNRFQIKG

VELKSGYKDWILWISFAISCFLLCVVLLGFIMWACQQRGNIRCNICI

FIG. 26

[illegible]

FIG. 27A

RSV	Peptide #	RSV	Peptide #	AVG. IC50 (XIT) ug/ml
T-22	I E L S N I K E N K C N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L Q L M Q S T			>500
T-23	I E L S N I K E N K C N G T D A K V K L I K Q E L D K Y			>500
T-24	E N K C N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L			>500
T-25	D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L Q L M Q S T			>500
T-26	C N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L Q L L			>500
T-27	S N I K E N K C N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L Q L L			>500
T-68	V S K Q Y S A L R T Q W Y T S V I T I E L S N I K E N			165
T-334	A F I R K S D E L L H N V			26
T-371	Y T S V I T I E L S N I K E N K U N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K			>500
T-372	T S V I T I E L S N I K E N K U N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N			NOT TESTED
T-373	S V I T I E L S N I K E N K U N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A			>500
T-374	S N I K E N K U N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L Q L L			>500
T-375	K E N K U N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L Q L L M O S			>500
T-575	A V S K Q Y L S A L R T Q W Y T S V I T I E L S N I K E N K U N G T D A			>100

F16.27B



RSV	Peptide #	AVG. IC50 (XTT) ug/ml
T-12	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y I D K Q L L	>500
T-13	L L S T N K A V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y	>500
T-15	V L H L E G E V N K I K S A L L S T N K A V V S L S N G	>500
T-19	L L S T N K A V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y	>500
T-28	A S G V A V S K V L H L E G E V N K I K S A L L S T N K A V V S L S N G V	>500
T-29	S G V A V S K V L H L E G E V N K I K S A L L S T N K A V V S L S N G	327
T-30	V L H L E G E V N K I K S A L L S T N K A V V S L S N G V S V L T S K	328
T-69	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y I D K Q L L	292
T-70	V N K I K S A L L S T N K A V V S L S N G V S V L T S K	349
T-66	N D Q K K L M S N N V Q I V R Q Q S Y S I M S I I K E E	>500
T-576	S I I S N I E T V I E F Q Q K N N R L L E I T R E F S V N A Q V T T P V I S	>100

FIG. 27D

FIG. 28A



[illegible][illegible][illegible][illegible]

FIG. 28 B

[illegible]

FIG. 29A

[illegible]

[illegible]

FIG. 30A

[illegible]

Fig. 30 B

Fusion ♥ALLMOTI5♥  
 Peptide ♠107x178x4♠  
 .....RNKRGVFLGFLGFLATAGSAMGAAS ♠♥XXXXAQSRTLLAGIVQQQQQ

LLDVVKRQOELLRLTVWGTKNLQTRVTAIEKYLKDQAQL♠NAWG♥ CAF

♥ALLMOTI5♥  
 \*LVS Predicted Coiled -Coil  
 RQVCHTTVPWPNASLTPDW \*NND ♥TWQEWERKVDFLEENITALLEEAQIQQ

♠107x178x4♠  
 EKNMY ♠ELQKLNSWD\* VF♥ GNXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX♠

IYIVMLAKLRQGYRPVFSSPPSYFQXTHTQQDPALPTREGKEGDGGEGGGNSSWP

WQIEYIHF

FIG. 31

MTRRRVLSVVVLLAALACRLGAQTPEQPAPPATTVQPTATRQQTSPFRVCELSSHGDLFRFSSD

♠107x178x4♠

IQCPSTGTRENTHEGLLMVFKDNIIPYSF ♠KVRSYTKIVTNILIYNGWYADSVTNRHE♠

EKFSVDSY ETDQMDTIYQ CYNVVKMTKD GLTRVYVDRD GVNITVNLKP TGGLANGVRR  
 YASQTELYDA PGWLIWYRT RTTVNCLITD MMAKSNSPFD FFVTTTGQTV EMSPFYDGKN  
 KETFHERADS FHVRTNYKIV DYDNRGTNPQ GERRAFLDKG TYTLWKLEN RTAYCPLQHW  
 QTFDSTIATE TGKSIHFVTD EGTSSFVTNT TVGIELPDAF KCIEEQVNKT HEKYEAVQD  
 RYTKGQEAIT YFITSGLLLL AWLPLTPRSL ATVKNLTEL TPTSSPPSSP SPPAPSAARG  
 STPAAVLRRR RRDAGNATTP VPPTAPGKSL GTLNNPATVQ IQFAYDSLRR QINRMLGDLA  
 RAWCLEQKRQ NMVLRELTKI NPTTVMSSY GKAVAAKRLG DVISVSQCVP VNQATVTLRK  
 SMRVPGSETM CYSRPLVSFS FINDTKTYEG QLGTDNEIFL TKKMTEVCQA TSQYYFQSGN

♠107x178x4♠

EIHVYNDYHH FKTIELDGIA TLQTFISLNT ♠SLIENIDEASLELYSRDEQRASNVED \*LE♠

\*LVS Predicted Coiled Coil\*

TM Potential

GIFREYNFQAQNIAGLRKDLDNAVSN\* GRNQ FVDGLGELMDSLGSVG QSITN

♣P12LZIPC♣

TM Potential

TM Potential

LVSTVGGLFSSLVSGFISF FK N ♣PFGGMLILVLVAGVVILVISL♣ TRRTRQMS

QQPVQMLYPG IDELAQQHAS GEGPGINPIS KTELQAIMLA LHEQNQEQR AAQRAAGPSV

ASRALQAARDRFPGLRRRRY HDPETAAALL GEAETEF

FIG. 32

7872-020 (SHEET 40 OF 63)

MMDPNSTSED VKFTPDYQV PFVQAFDQAT RVYQDLGGPS QAPLPCVLWP VLPEPLPQQQ

LTAYHVSTAP TGSWFSAPQP APENAYQAYA APQLFPVSDI TQNQQTNQAG GEAPQPGDNS

TVQTAAAVVF ACPGANQGQQ LADIGVPQPA PVAAPARRTR KPQQPESLEE CDSELEI

@DNA Binding@

▲107x178x4▲

+Dimerization+

@KRY KNRVASRKCRAK ▲EK@ Q

+LLOHYREVAAAKSENDRLRLLLKQ▲

MCPSLDVD+ SI IPRTPDVLHE DLLNF

FIG. 33



## 7872-020 (SHEET 41 OF 63)

Fusion

Peptide

FAG

♥ ALLMOTI5 ♥

\* LVS Coiled-Coil \*♥ VVLAGAALGVATAAQITAGIALHQSM L \* NSQAIDNLRASLETTNQAIEAIRQAGQEMI \* LAVQGVQDYINN ♥ ELIPSMNQLSCDLIGQKLGLKLLRYYT

♣ P23LZIPC ♣

♣ P6,12LZIPC ♣

♠ 107x178x4 ♠

♥ ALLMOTI5 ♥

EILSLFGPSLRD ♣ PISA ♠ ♥ EISIQALSYALGGDINKV ♣ LEKLGYSGGDL ♣

♣ P1,12LZIPC ♣

LGILES ♠ RGIKARI ♥ THVDTESYFIVLSIAY ♣ PTLSEIKGVIVHRLEGV ♣ SY

NIGSQEWYTTVPKYVATQGYLISNFDESSCTFMPEGTVCSQNALYPMSPLLQECL

RGSTKSCARTLVSGSFGNRFILSQGNLIANCASILCKCYTTGTIINQDPDKILTYIAA

♣ P23LZIPC ♣

♣ P12LZIPC ♣

♥ ALLMOTI5 ♥

\* LVS Coiled-Coil \*DHCPVVEVNGVTIQVGSRRYPDAVYLHRIDLGP ♣ P ♥ IS \* LERLDVGTNLGN♦ Transmembrane Region ♦AIKLEDAKELL ♣ ESSDOI \* L ♣ RSMK ♦ GLSSTSIVYILI ♥ AVCLGGLIGIPALICCC ♦ RGRCNKKGEQVGMSRPGLKPDLTGTSKSYVRSL

FIG. 34

7872-020 (SHEET 42 OF 63)

## Pre S1 and Pre S2

MGQNLSTSNPLGFFPDHQLDPAFRANTANPDWDFNPNKDTWPDANKVGAGAFG  
 LGFTPPHGGLLGWSPQAQGILQTLPANPPPASTNRQSGRQPTPLSPPLRNTHPQAM  
 QWNSTTFHQTLQDPRVRGLYFPAGGSSSGTVNPVLTASPLSSIFSRIGDPALN

## Major Surface Antigen (HBs)

Fusion

Peptide

♣P12 &amp; 23LZIPC♣

MENITSG FLG ♣PLL VLQAGFFLLTRILTI♣ PQSLDSWWTSLNFLGGTTVCLG

♣P12 &amp; 23LZIPC♣

QNSQSPTSNHSPTSCPPTC ♣PGYRWMCLRRFIIFLLCLIFLLVLLDYQGML♣

PVCPLIPGSSTTSTGPCRTCMTTAQGTSMYPSCCCTKPSDGNCTCIPISSWAFGKF

♦Transmembrane Region♦LWEWASARFSWLS ♦LLVPFVQWFEVGLSPTVWLSVI♦ WMMWYWGPSL♦Transmembrane Region♦♦YSILSPFLPLLPIFFCLWVYI♦

FIG. 35

Fusion ♥ ALLMOTI5 ♥ ♠ 107x178x4 ♠  
 Peptide \*LVS Coiled Coil  
 AIQLIPLFVG LGI ♥ TTAVSTGAAGLGVS ♠ IT \* QYTKLSHQLISDV

QAISSTIQDLQDQVDSLAEVVLQ\* NRRGLDLLTAE ♠ QGGI ♥

CLALQEKCCFYANKSGIVRDKIKNLQDDLERRRRQLIDNPFWTSFHG

FLPYVMPLLGPLLCLLLVLSFGPIIFNKLMTFIKHQIESIQAKPIQVHYH

Transmembrane Region

RLEQEDSGGSYLTLT.....??

FIG 36

MKAQKGFTLI ELMIVVAIIG ILAAIAIPQ

♠107x178x4♠

♥ALLMOTI5♥

♠♥YQDYTARTQVTRAVSEVSALKTAAESAILEGKEIVSSA♠ T♥

PK DTQYDIGFT

♠107x178x4♠

♥ALLMOTI5♥

♠♥ESTLLDGSGKSOIQVTDNODGTVELVATLGKSSGS♠ AIKGAVITVSR♥

KNDGV WNCKITKTPT AWKPNYAPAN CPKS

FIG. 37

MNTLQKGFTL IELMIVIAIV GILAAVALPA YQDYTARAQV

SEAILLAEGQ KSAVTEYYLN HGIWP

♠107x178x4♠

♥ALLMOTIS♥

♠♥KDNTSAGVASSSSIKGKYVKEVKVENGVVTAT♠

MNSSNVNKEIQGKKLSLWAKRQDGSVKW♥

FCGQP VTRNAKDDTV TADATGNDGK IDTKHLPSTC RDNFDAS

FIG. 38

7872-020 (SHEET 46 OF 63)

MKKTLLGSLI LLAFAGNVQA DINTETSGKV TFFGKVVENT

CKVKTEHKNL SVVLNDVGKN SLSTKVNTAM PTPFTITLQN

CDPTTANGTA NKANKVGLYF Y

♠107x178x4♠

♥ALLMOTI5♥

♠♥SWKNVDKENNETLKNEOTTADYATNVNI♠

QLMESNGTKAISVVGKETE♥

DF MHTNNNGVAL NQTHPNNAHI SGSTQLTTGT NELPLHFIAQ

YYATNKATAG KVQSSVDFQI AYE

FIG. 39

MNKKLLMNFF IVSPLLLATT ATDFTPVP

♠107x178x4♠

♥ALLMOTI5♥

♠♥LSSNQIIKTAKASTNDNIKDLLDWYSSGSDTFTNS♠♥

EVLDNSL GSMRIKNTDG SISLIIFPSP YYSPAFTKGE KV

♠107x178x4♠

♠DLNTRTKKSQHTSEGTYIHFQISGVT♠

N TEKLPTPIEL PLKVKVHGKD SPLKYG

♣P12LZIPC♣

♣PKFDKKQLAISTLDFEIRHQLTQI♣

HGLYRSSDKT GGYWKITMND GSTYQSDLSK KFEYNTTEKPP

INIDEIKTIE AEIN

FIG. 40

♥ALLMOTI5♥  
MKKTAFILL FIALTLTTSP L ♥VNG

♠107x178x4♠  
\*LVS Predicted Coiled-Coil\*  
\*S ♠EKSEEINEKDLRKKSELQRNALSNLRQIY\* YYNEKAITENKESDD ♠

QFLENTLL ♥FKG FFTGHPW

♠107x178x4♠  
♠YNDLLVDLGSKDATNKYKGKKVDLYGAY♠

YGYQCAGGTPNKTACMYGGVTLHDN NRLTEKKVP INLWIDGKQTTV

♣P12LZIPC♣  
♣PIDKVKTSKKEVTVQELDL♣ QARHYLHGK FGLYNSDSFGGKVQ

♣P12LZIPC♣  
RGLIVF HSSEGSTVSY DLFDAQGQY ♣P DTLLRIYRDN KTINSENLHI♣

DLYLYTT

FIG. 41



MKKTAFTLLL FIALTTLTSP L ♡ALLMOTIS ♡  
♡VNGS

♠107x178x4♠  
♠EKSEEINEKDLRKKSELOGTALGNLKOIYYYNEKAKTENKESHD♠ Q♡

FLQHTILFKG FFDHWSWYND LLVDFDSKDI VDKYKGKKVDLYGAYY

GYQC AGGTPNKTAC MYGGVTLHDN NRLTEKKVPINLWLDGKQNTV

♠107x178x4♠  
♡ALLMOTIS ♡  
♣P12LZIPC♣  
♣P ♡L ♠ETVKTNNKNVTVQELDLQARRYL♣ QEKYNLYN♠

SDVFDGKVQR ♡ GLIVF HTSTE

♣P23LZIPC♣  
♣PSVNYDLFGAQQGQYSNTLLRIYRDNKTINSENMI♣ DIYLYTS

FIG. 42

MKNITFIFILLASPLYANGDRLYRADSRPPDEIKRFRSLMPRGNEYFDRGT

♥ALLMOTI5♥

♥QMNINLYDHARGTQTGFVRYDDGYV

♠107x178x4♠

♠STSLSLRSAHLAGQYILSGYSLTIYIVI♠ ANMFNVNDVISVY♥

SP HPYEQEVSA L GGIPYSQIYG WYRVNFGVID ERLHRNREYR

DRYYRNLNIA PAEDGYRLAG FPPDHQAWRE EPWIHHAPQG

CGDSSRTITG DTCNE

♥ALLMOTI5♥

♥ETQNLSTIYLRQYQSKVKRQIFSDYQSEVDIYNRIRDEL♥

FIG. 43

MMFSGFNADY EASSSRCSSA SPAGDSLSSYY HSPADSFSSM

GSPVNAQDFC TDLAVSSANF IPTVTAISTS PDLQWL VQPA

LVSSVAPSQT RAPHFPGVPA PSAGAYSRAG VVKMTMTGGRA

\*LVS Predicted Coiled-Coil\*

QSIGRRGKVE QLSPEEEEEKR RIRRE \*RNKMA AAK

♠107x178x4♠

♥ALLMOTI5♥

♥CRNRRREL ♠TDTLQAETDQLEDEKSALQTEIANLLKEKEKL♥

EFILAAH R\* PACKIPDDL GFPEEMSVAS LDLTGGLPEV

ATPESEEAFT LPLLNDPEPK PSVEPVKSIS SMELKTEPFD

DFLFPASSRP SGSETARVP DMDLSGSFYA LPLLNDPEPK

PSVEPVKSIS SMELKTEPFD DFLFPASSRP SGSETARVP

DMDLSGSFYA GSSSNEPSSD SLSSPTLLAL

FIG. 44

SGWESYYKTEGDDEAEEEQEENLEASGDYKYSGRDSLIFLVDASKA  
MFESQSEDELTPFDMSIQCIQSVYISKIISDRDLLAVVFGTEKDKNS  
VNFKNYVLQELDNPGAKRILELDQFKGQQGQKRFQDMMGHGSDY  
SLSEVLWVCANLFSVDVQFKMSHKRIMLFTNEDNPHGNDSAKASRAR  
TKAGDLRDTGIFLDLMHLKKPGGFDISLFYRDIISLAEDD

♠107x178x4♠

♥ALLMOTI5♥

\*LVS Predicted Coiled-Coil\*

♥LRVH \*FEE ♠SSKLEDLLRKVRACKETRKRALSRLKLKLNKDIV\* ISV

GIYNLVQKAL♥ KPPPIKLYRETN♠ EPVKTTRTFNTSTGGLLLPSDTKR

SQIYGSRQIILEKEETEELKRFDDPGLMLMGFKPLVLLKKHHLRPSLFVYPE  
ESLVIGSSTLFSALLIKCLEKEVAALCRYTPRRNIPPYFVALVPQEEELDDQK  
IQVTPPGFQLVFLPFADDKRKMPFTEKIMATPEQVGKMKAIVEKLRFTYRS  
DSFENPVLQQHFRNLEALALDLME

♣P12LZIPC♣

♣PEQAVDLTLPKVEAMNKRL♣ GSLVDEFKELVYPPDYNPEGKVTKR  
KHDNEGSGSKRPKVEYSEEELKTHISKGTLGKFTVPMLKEACRAYGLKSG  
LKKQELLEALTKHFQD

FIG. 45

GGGALSPQHSAVTQGSIKNKEGMDAKS

♠107x178x4♠

♥ALLMOTIS♥

♥♠LTAWSRTLVTFKDVFVDFTREEWKLLDT♠ AQQIVYRNV

MLENYKNLVSLGYQLT♥ KPDVILRLEKGEEPWLVEREIHQETHPD  
SETAFEIKSSVSSRSIFKDKQSCDIKMEGMARNDLWYLSLEEVWKCR  
DQLDKYQENPERHLRHQLIHTGEKPYECKEKGKSFSRSSHLIGHQKT  
HTGEEPYECKEKGKSFSWFSHLVTHQRTHTGDKLYTCNQCGKSFVH  
SSRLIRHQRTHTGHPYECPECKGKSFRQSTHLILHQRTHVRVRPYECN  
ECGKSYSQRSHLVVHHRIHTGLKPFECKDCGKCFSSSHLYSHQRTH  
TGEKPYECHDCGKSFSQSSALIVHQRIHTGEKPYECCQCGKAFIRKN  
DLIKHQRIHVGAETYKCNQCGIIFSQNS

♣P23LZIPC♣

♣PFIVHQIAHTGEQFLTCNQCGTALVNTSNLIGYQTNHI♣ RENAY

FIG. 46

[illegible]

Fig. 47



HIV-1 BRU Walks N-Terminal to DP178										HIV-2 BRU Walks N-Terminal to DP178									
AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#	AA#
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40
41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60
61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80
81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100
101	102	103	104	105	106	107	108	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120
121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133	134	135	136	137	138	139	140
141	142	143	144	145	146	147	148	149	150	151	152	153	154	155	156	157	158	159	160
161	162	163	164	165	166	167	168	169	170	171	172	173	174	175	176	177	178	179	180
181	182	183	184	185	186	187	188	189	190	191	192	193	194	195	196	197	198	199	200
201	202	203	204	205	206	207	208	209	210	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220
221	222	223	224	225	226	227	228	229	230	231	232	233	234	235	236	237	238	239	240
241	242	243	244	245	246	247	248	249	250	251	252	253	254	255	256	257	258	259	260
261	262	263	264	265	266	267	268	269	270	271	272	273	274	275	276	277	278	279	280
281	282	283	284	285	286	287	288	289	290	291	292	293	294	295	296	297	298	299	300
301	302	303	304	305	306	307	308	309	310	311	312	313	314	315	316	317	318	319	320
321	322	323	324	325	326	327	328	329	330	331	332	333	334	335	336	337	338	339	340
341	342	343	344	345	346	347	348	349	350	351	352	353	354	355	356	357	358	359	360
361	362	363	364	365	366	367	368	369	370	371	372	373	374	375	376	377	378	379	380
381	382	383	384	385	386	387	388	389	390	391	392	393	394	395	396	397	398	399	400
401	402	403	404	405	406	407	408	409	410	411	412	413	414	415	416	417	418	419	420
421	422	423	424	425	426	427	428	429	430	431	432	433	434	435	436	437	438	439	440
441	442	443	444	445	446	447	448	449	450	451	452	453	454	455	456	457	458	459	460
461	462	463	464	465	466	467	468	469	470	471	472	473	474	475	476	477	478	479	480
481	482	483	484	485	486	487	488	489	490	491	492	493	494	495	496	497	498	499	500
501	502	503	504	505	506	507	508	509	510	511	512	513	514	515	516	517	518	519	520
521	522	523	524	525	526	527	528	529	530	531	532	533	534	535	536	537	538	539	540
541	542	543	544	545	546	547	548	549	550	551	552	553	554	555	556	557	558	559	560
561	562	563	564	565	566	567	568	569	570	571	572	573	574	575	576	577	578	579	580
581	582	583	584	585	586	587	588	589	590	591	592	593	594	595	596	597	598	599	600
601	602	603	604	605	606	607	608	609	610	611	612	613	614	615	616	617	618	619	620
621	622	623	624	625	626	627	628	629	630	631	632	633	634	635	636	637	638	639	640
641	642	643	644	645	646	647	648	649	650	651	652	653	654	655	656	657	658	659	660
661	662	663	664	665	666	667	668	669	670	671	672	673	674	675	676	677	678	679	680
681	682	683	684	685	686	687	688	689	690	691	692	693	694	695	696	697	698	699	700
701	702	703	704	705	706	707	708	709	710	711	712	713	714	715	716	717	718	719	720
721	722	723	724	725	726	727	728	729	730	731	732	733	734	735	736	737	738	739	740
741	742	743	744	745	746	747	748	749	750	751	752	753	754	755	756	757	758	759	760
761	762	763	764	765	766	767	768	769	770	771	772	773	774	775	776	777	778	779	780
781	782	783	784	785	786	787	788	789	790	791	792	793	794	795	796	797	798	799	800
801	802	803	804	805	806	807	808	809	810	811	812	813	814	815	816	817	818	819	820
821	822	823	824	825	826	827	828	829	830	831	832	833	834	835	836	837	838	839	840
841	842	843	844	845	846	847	848	849	850	851	852	853	854	855	856	857	858	859	860
861	862	863	864	865	866	867	868	869	870	871	872	873	874	875	876	877	878	879	880
881	882	883	884	885	886	887	888	889	890	891	892	893	894	895	896	897	898	899	900
901	902	903	904	905	906	907	908	909	910	911	912	913	914	915	916	917	918	919	920
921	922	923	924	925	926	927	928	929	930	931	932	933	934	935	936	937	938	939	940
941	942	943	944	945	946	947	948	949	950	951	952	953	954	955	956	957	958	959	960
961	962	963	964	965	966	967	968	969	970	971	972	973	974	975	976	977	978	979	980
981	982	983	984	985	986	987	988	989	990	991	992	993	994	995	996	997	998	999	1000
1001	1002	1003	1004	1005	1006	1007	1008	1009	1010	1011	1012	1013	1014	1015	1016	1017	1018	1019	1020
1021	1022	1023	1024	1025	1026	1027	1028	1029	1030	1031	1032	1033	1034	1035	1036	1037	1038	1039	1040
1041	1042	1043	1044	1045	1046	1047	1048	1049	1050	1051	1052	1053	1054	1055	1056	1057	1058	1059	1060
1061	1062	1063	1064	1065	1066	1067	1068	1069	1070	1071	1072	1073	1074	1075	1076	1077	1078	1079	1080
1081	1082	1083	1084	1085	1086	1087	1088	1089	1090	1091	1092	1093	1094	1095	1096	1097	1098	1099	1100
1101	1102	1103	1104	1105	1106	1107	1108	1109	1110	1111	1112	1113	1114	1115	1116	1117	1118	1119	1120
1121	1122	1123	1124	1125	1126	1127	1128	1129	1130	1131	1132	1133	1134	1135	1136	1137	1138	1139	1140
1141	1142	1143	1144	1145	1146	1147	1148	1149	1150	1151	1152	1153	1154	1155	1156	1157	1158	1159	1160
1161	1162	1163	1164	1165	1166	1167	1168	1169	1170	1171	1172	1173	1174	1175	1176	1177	1178	1179	1180
1181	1182	1183	1184	1185	1186	1187	1188	1189	1190	1191	1192	1193	1194	1195	1196	1197	1198	1199	1200
1201	1202	1203	1204	1205	1206	1207	1208	1209	1210	1211	1212	1213	1214	1215	1216	1217	1218	1219	1220
1221	1222	1223	1224	1225	1226	1227	1228	1229	1230	1231	1232	1233	1234	1235	1236	1237	1238	1239	1240
1241	1242	1243	1244	1245	1246	1247	1248	1249	1250	1251	1252	1253	1254	1255	1256	1257	1258	1259	1260
1261	1262	1263	1264	1265	1266	1267	1268	1269	1270	1271	1272	1273	1274	1275	1276	1277	1278	1279	1280
1281	1282	1283	1284	1285	1286	1287	1288	1289	1290	1291	1292	1293	1294	1295	1296	1297	1298	1299	1300
1301	1302	1303	1304	1305	1306	1307	1308	1309	1310	1311	1312	1313	1314	1315	1316	1317	1318	1319	1320
1321	1322	1323	1324	1325	1326	1327	1328	1329	1330	1331	1332	1333	1334	1335	1336	1337	1338	1339	1340
1341	1342	1343	1344	1345	1346	1347	1348	1349	1350	1351	1352	1353	1354	1355	1356	1357	1358	1359	1360
1361	1362	1363	1364	1365	1366	1367	1368	1369	1370	1371	1372	1373	1374	1375	1376	1377	1378	1379	1380
1381	1382	1383	1384	1385	1386	1387	1388	1389	1390	1391	1392	1393	1394	1395	1396	1397	1398	1399	1400</



HIV-1 Bru 178 Constructs, Mutations, Truncations																			
Truncation	PL	Removed	Added	AA	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
T4	X																		
T28	X																		
T700	X																		
T716	X																		
T657716	X																		
T714	X																		
T712	X																		
T64	X																		
T63	X																		
T62	X																		
T2	X																		
T617102	X																		
T217	X																		
T218	X																		
T216	X																		
T220	X																		
T221	X																		
T234	X																		
T235	X																		
T370	X																		
T381	X																		
T342	X																		
T377	X																		
T376	X																		
T389	X																		
T377	X																		
T390	X																		
T378	X																		
T591	X																		
T270	X																		
T271	X																		
T272	X																		
T273	X																		
T608	X																		
T609	X																		
T610	X																		
T611	X																		
T612	X																		
T222	X																		
T223	X																		
T607224	X																		
T225	X																		
T226	X																		
T227	X																		

Fig. 49B

## 7872-020 (SHEET 58 OF 63)

HIV-1 Brn 178 Constructs, Mutations		AAE		C O O		C13H27CO-		Free Termin		No Ac-		Dig-		Biotin-		Biotin-HH(CH2)8CO-		Biotin-HH(CH2)4CO-		PL		Removed		Mutant		Added		HIV-1/mlb		IC50 (ng/ml)	
T595																															
T574																															
T680																															
T573																															
T64																															
T63																															
T708																															
T707																															
T720																															
T65																															
T68																															
T97																															
T68																															
T99																															
T103																															
T212																															
T213																															
T214																															
T215																															
T216																															
T229																															
T230																															
T231																															
T379																															
T701																															
T702																															
T703																															
T704																															
T705																															
T706																															
T156																															
T89																															
T90																															

Fig. 49C

HIV-1 BRU DP-107 peptides																				

FIG. 50

[illegible]

FILE 51A

																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					</
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	----

FIG. 51B

7872-020 (SHEET 62 OF 63)

## Domain I:

174P-L-L-V-L-Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L-G-Q-N-S-Q-S-P220

P-L-L-V-L-Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T  
 L-L-V-L-Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T  
 L-V-L-Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V  
 V-L-Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C  
 L-Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L  
 Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L-G  
 A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L-G-Q  
 G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L-G-Q-N  
 F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L-G-Q-N-S  
 F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L-G-Q-N-S-Q  
 L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L-G-Q-N-S-Q-S

Fig. 52A

### Domain II:

2223P-G-Y-R-W-M-C-L-R-R-F-I-F-L-F-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-G-P-C-R-T-C-M-T-T291

P-Q-Y-R-W-M-C-L-R-R-F-I-I-F-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L  
G-Y-R-W-M-C-L-R-R-P-I-I-F-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P  
Y-R-W-M-C-L-R-R-F-I-I-F-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V  
R-W-M-C-L-R-R-F-I-I-F-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C  
W-M-C-L-R-R-F-I-I-F-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P  
M-C-L-R-R-F-I-I-F-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L  
C-L-R-R-F-I-I-F-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I  
L-R-R-F-I-I-F-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P  
R-R-F-I-I-F-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-Q  
R-F-I-I-F-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-Q-S  
P-I-I-F-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S  
I-I-F-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T  
I-F-L-L-L-L-C-L-I-P-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S  
P-L-L-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T  
L-F-L-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-Q  
F-I-L-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-Q-P  
I-L-L-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-Q-P-C  
L-L-L-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-Q-P-C-R  
L-L-L-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-Q-P-C-R-T  
L-L-L-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-Q-P-C-R-T-C  
C-L-L-L-L-L-C-L-I-F-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-Q-P-C-R-T-C-M  
L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-Q-P-C-R-T-C-M-T  
I-F-L-L-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-Q-P-C-R-T-C-M-T-T

52 B